

10 30 50
 CTGCACGAGGCGACAGATTTATCAAGCTCCTCAGTCAACAAACACATCACCCGGAAGAAA
 70 90 110
 CATGGAAGAAAGGAATTTTAAAGGAATACCAATCTCTGTGCAAAACAAAGCCTTGAT
 130 150 170
 ATTCATGTTTGCACCAATCTACTGTGACATTTATGAAGAAAAACAAATGCGGCAACT
 190 210 230
 TCTATGTACACTTACAAATGCCTCAGTTGATGCTTGTGGCTGTGTTGTGAGCGTTCCTGTG
 250 270 290
 ATAATGAACACATGGACTTCTGTTTATTAATTCAGTTGACCCCTTTAGCCAATTGCGAG
 310 330 350
 GAGCCTGGATTTTACTTCCAACCTGCTGATATCTGTGTAAAAATTGATCTACATCCACC
 370 390 410
 TTTAAAGCAATTGATGAATTAATTAGAACTTTAGACAACAAGAAAAATGAAAAAGAATTC
 430 450 470
 TCAGTAAAGCGAATTCGATGTTCAAAACAACTACAAAGAGACAAGACTTCTCTGTTTA
 490 510 530
 CTTTCTAAGAACTAATATAATGTGCTACCTTAAAAAGGAAAAAATGAACAGCACATGTATT
 550 570 590
 GAAGAACAGCATGACCTGGATCACTATTGTTTCCCATGTGTTTACATCTTTGTGATTATA
 E E Q H D L D H Y L F P I V Y I F V I I
 610 630 650
 GTCAGCAATCCAGCCAATATTGGATCTCTGTGTGTCTTTTCCTGCAACCAAGAGAA
 V S I P A N I G S L C V S F L Q P K K E
 670 690 710
 AGTGAATAGGAATTTACTCTTCAGTTTGTCTACTATCAGATTTACTCTATGCATTAAT
 S E L G I Y L F S L S L S D L L Y A L T
 730 750 770
 CTCCTTTATGGATTGATTATACTTGGAAATAAGAACACTGGACTTTCTCTCTGCTG
 L F L W I D Y T W N K D N W T F S P A L
 790 810 830
 TGCAAAAGGAGTGTCTTTCTCATGTACATGAAGTTTACAGCAGCACAGCAATTCCTCACC
 C K G S A F L M Y M K F Y S S T A F L T
 850 870 890
 TGCATTGCCGTTGATCGGTATTGGCTGTGTCTACCCCTTGAAGTTTTTTTTCCTAAGG
 C I A V D R Y L A V V Y P L K F F F L R
 910 930 950
 ACAAGAAGAAATTGCACCTCATGGTCAGCCTGTCCATCTGGATATTGGAACCATCTTCAAT
 T R R I A L M V S L S I W I L E T I F N
 970 990 1010
 GCTGTCACTGTTGTGGGAAGATGAAACAGTTGTGAATATTGCGATGCCGAAAGTCTAAT
 A V M L W E D E T V V E Y C D A E K S N
 1030 1050 1070
 TTTACTTTATGCTATGACAAATACCCTTTAGAGAAATGGCAATCAACCTCAACTGTTC
 T T L C Y D K Y P L E K W Q I N L N L F
 1090 1110 1130
 AGGACGTGTACAGGCTATGCAATACCTTTGGTCACCATCTGATCTGTAAACCGGAAGTC
 R T C T G Y A I F L V T I L I C N R K V
 1150 1170 1190
 TACCAAGCTGTGCGGCACAATAAAGCCACGGAACAAGGAAAGAAAGAAATCATAAAA
 Y Q A V R H N K A T E N K E K K R I I K
 1210 1230 1250
 CTACTGTGACATCAGATTACTTTTGTCTTATGCTTTACTCCCTTTTCATGTGATGTG
 L L V S I T V T F V L C F T P F H V M L
 1270 1290 1310
 CTGATTCCTGCATTTTATAGCATGTGGAACCTCGAAGACCACAGCAATCTGGAAG
 L I R C I L E H A V N F E D H S N S G K
 1330 1350 1370
 CGAAGCTACCAATGTATAGAATCAGGGTTCATTAACAAGTTTAAATTTGTTGCTGAT
 R T Y T M Y R I T V A L T S L N C V A D
 1390 1410 1430
 CCAATCTGTACTGTTTTTGTACCGAAACAGGAAGATATGATGTGGAATATATAAAA
 P I L Y C F V T E T G R Y D M W N I L K

1013 FIGURE 1 1/2 325800-450

1450 1470 1490
 TTCTGCAC TGGGAGGTGTAATACATCACAAAGACAAAGAAAACGCATACTTCTGTGTCT
 F C T G R C N T S Q R Q R K R I L S V S
 1510 1530 1550
 ACAAAGATACTATGGAATTAGAGGTCCCTTGAGTAGAACCAAGGATGTTTTGAAGGGAAG
 T K D T M E L E V L E *
 1570 1590 1610
 GGAAGTTTAAGTTATGCATTATTATATCATCAAGATTACATTTTGAAAAGGAAATCTAGC
 1630 1650 1670
 ATGTGAGGGGACTAAGTGTCTCAGAGTGATGTTTTTAATCCAGTCCCAATAAAAAATATCTT
 1690 1710 1730
 AAAACTGCATTGTACAGCTCCCTCCCTGCGTTTTTATTAAATGATGTATATTAAACAAAGA
 1750
 TCAATATTTTCTT

FIGURE 1 $\frac{2}{2}$
 2 of 3 305800-450

Homology Comparison **HTNAD29.Pro x Hu. PAF receptor**

Percent Similarity: 53.438 Percent Identity: 29.375

```

4 TCIEEQHDLDRHYLFPIVYIFVIIVSIPAN..IGSLCVSFLQPKKESELGI 51
.:. .: .: .: ||||| :.:. .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .:
5 DSSHMDSEFRYTLFPIVYSIIFVLGVIANGYVLWVFAFLYPCKKFNEIKI 54
.:. .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .:
52 YLFSLSLSDLLYALTLPLWIDYTNKNDNWTFSPALCKGSAFLMYMKFYSS 101
.:. .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .:
55 FMVNLTMADMLFLITLPLWIVYYQNGNWILPKFLCNVAGCLFFINTYCS 104
.:. .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .:
102 TAFLTCLAVDRYLAIVVYPLKFFFLRTRRIALMVSL SINILETIFNAVMLW 151
.:. .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .:
105 VAFLGVITYNRFOAVTRPIKTAQANTRKRGISLSLVIWVAIVGAASYFLI 154
.:. .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .:
152 EDETVEYCDAEKSNETLCYDKYPLEKQINLNLFRCTCTGYALPLVTILI 201
.:. .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .:
155 LDSTNTVDSAGSGNVTRCFEHYEKGSVPLIIHIFIVFSFPLVFLIILF 204
.:. .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .:
202 CNRKVY....QAVRHINKATENKEKKRIIKLLVSITVTFVLCFTPFHVML 246
.:. .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .:
205 CNLVIIRTLMLQPVQQQRNAEVTG..RALWMVCTVLAFLIICFVPHHVQ 252
.:. .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .:
247 LIRCILEHAVNFEDHSNSGKRTYTMYRITVALTSLNVCVADPILYCFVTET 296
.:. .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .:
253 LPWTLAE..LGFQD.SKFHQAINDAHQVTLCLLSTNCVLDPIVYCFLTKK 299
.:. .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .:
297 GRYDMWNILKFCTGRCNTSQRQRKRLSVSTKDTMEVLE 337
.:. .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .:
300 FRKHL..TEKFYSMRSS.....RKCSRATTDTVTEVVVP 331
.:. .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .:

```